Hervé Cariou



Koya

Les indices de la "génohistoire"

Koya

Les indices de la "génohistoire"



Image : Gerd Altmann | Pixabay

Hervé Cariou

Koya : Les indices de la "génohistoire"

Publication : 2022 | **seconde édition** revue et corrigée

Du même auteur :

1. Scythia : L'étonnante Histoire de l'antique Irlande
2. Brittia : L'Histoire méconnue des Bretons
3. Keltia : L'étrange Histoire des Celtes
4. Nâga : L'Histoire de la population nâga
5. Maya : L'Histoire de la population maya
6. Luzia : L'Histoire ancienne du Nouveau Continent
7. Gaia : La Préhistoire revisitée
8. Koya : Les indices de la "génohistoire"
9. Sela : Des témoignages historiques surréels
10. Troia : L'Histoire de la Nouvelle-Troie
11. India : Les origines de l'Inde
12. Namaka : Les origines des peuples *antiques*
13. Europa : Les origines des Européens
14. Brittia II : Du Kalimantan à la Bretagne
15. NRYN : L'origine inconnue de notre humanité
16. Scythia: The Amazing Origins of Ancient Ireland
17. Ibéria : L'énigme proto-ibère
18. Furia : Les deux guerres mondiales décodées
19. Tè Ra : Quand l'Histoire dépasse la fiction
20. Origins of the Celts (sous le pseudonyme Cryfris Llydaweg)
21. Futuria : Le futur proche décodé

Introduction

La génétique des populations est l'étude de la reproduction des populations. Auparavant, on étudiait l'évolution du point de vue des individus seulement. De nos jours, on le fait aussi du point de vue des populations. Pourquoi ?

Les individus sont une distribution de génotypes mais ce sont les populations qui engendrent ces génotypes. Un génotype contient l'information portée par le génome (ADN) d'un organisme. Notre génome humain contient entre 28 000 et 34 000 gènes répartis sur 46 chromosomes groupés en 23 paires. Une de ces paires est composée des chromosomes qui déterminent le sexe d'une personne : deux chromosomes X pour les dames et un duo X et Y pour les messieurs.

Le chromosome Y est un des « marqueurs » utilisés en génétique des populations et nous allons nous y intéresser. Pour information, notre génome a un « satellite » : le génome dit mitochondrial (ADNmt), transmis seulement par la mère. Son nom fait référence à des mitochondries présentes dans des cellules dites « eucaryotes ». Ce satellite génétique est également un des marqueurs utilisés par les généticiens.

Le chromosome Y est loin d'être le même pour tous les individus : il se décline en de multiples groupes dits « haplogroupes ». Ces derniers sont regroupés en 20 haplogroupes principaux. Pour les distinguer, les généticiens utilisent les 20 premières lettres de l'alphabet (de A à T). On peut parler d'arbre génétique car le A aurait « engendré » le B (via les mutations A1b et BT), etc. Le plus ancien haplogroupe sur Terre est le A et plusieurs populations le transmettent encore.

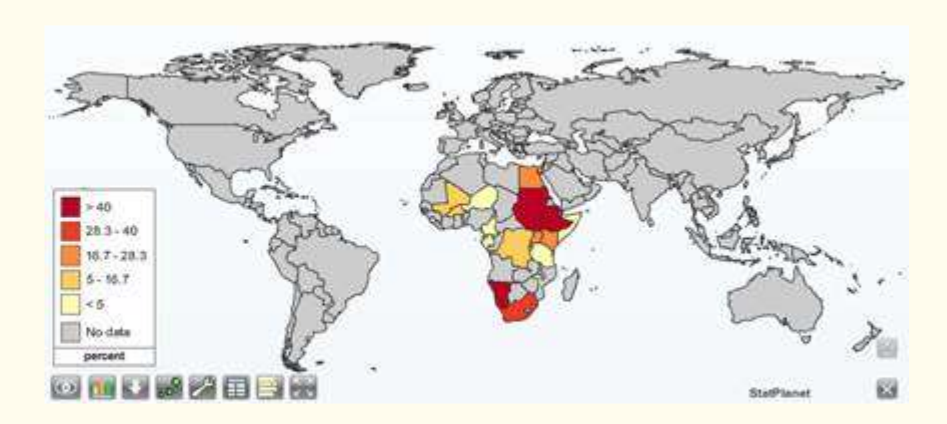
Tout comme les historiens ont coutume de souligner que l'Histoire humaine est une suite de migrations, les généticiens pourraient souligner que l'évolution humaine est une suite de mutations. Peut-on récolter des indices sur l'histoire des populations en utilisant la génétique des populations ? En fait, cet essai fait le point sur les indices déjà recueillis et s'autorise à les enrichir.



Un jeune Nama (Tanzanie)
Photo : Shark studio | Wikimedia | Creative Commons CC BY-SA 4.0

Le « patriarche »

On commence par l'haplogroupe le plus ancien (le A).



Parmi les populations les plus représentatives, on trouve la population Nama (Namibie), Dinka et Shilluk (Soudan du Sud), Nuba (Soudan) et Khoisan (Khoekhoen et Sān, Afrique du Sud). D'une façon générale, les populations de cet haplogroupe sont plus matures sur le plan émotionnel (voire spirituel) que les autres populations de la Terre. Par exemple, elles ne guerroient pas. Par contre,

elles ne développent pas leur architecture ou leur industrie et du coup, leur Histoire reste un mystère.

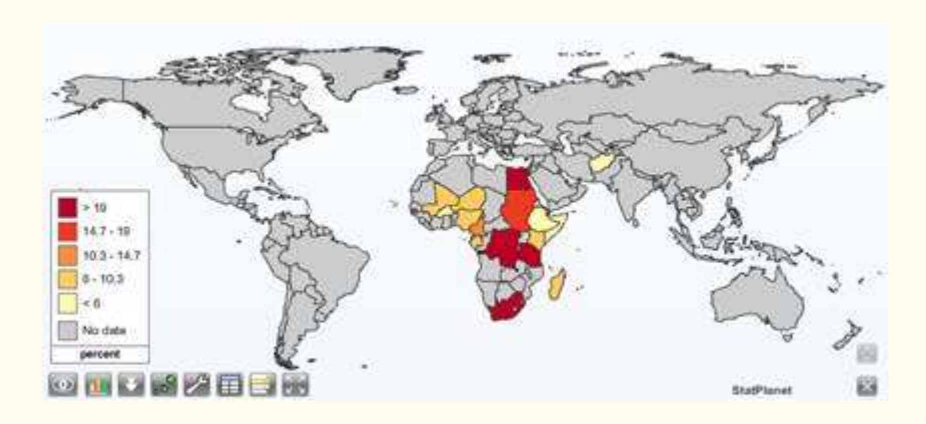
La plupart des pays n'abrite pas cet haplogroupe. Pour les historiens, elle recèle trois indices. Tout d'abord, cet haplogroupe serait né en Afrique. Ensuite, il n'aurait jamais quitté ce continent. Enfin, il serait originaire de Namibie, du Soudan ou de l'Éthiopie.



Une Zulu en tenue traditionnelle, KwaZulu-Natal (Afrique du Sud)
Photo : South African Tourism | Wikimedia | Creative Commons CC BY 2.0

Du Mbuti au Zulu

On va aborder maintenant l'haplogroupe B-M60. Un haplogroupe est lui-même une mutation. Les mutations utilisent leur propre codification (ici, M60).



Le A aurait engendré le B via les mutations BT et A1b. Parmi les populations les plus représentatives, on trouve les Mbuti (pygmées, Congo), Hadza et Burunge (Tanzanie), Nuer et Shilluk (Soudan du Sud), Nubiens d'Égypte et Zulu (Afrique du Sud).

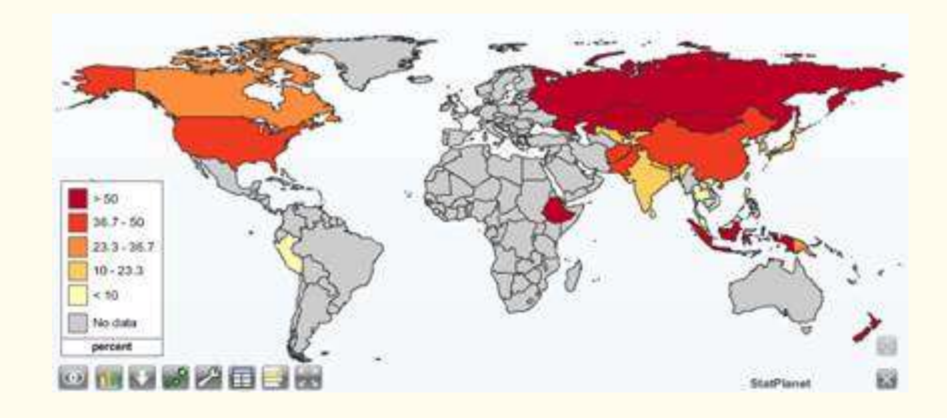
A l'image de l'haplogroupe précédent, on pourrait avancer qu'il est né en Afrique. Par contre, il a quitté (timidement) l'Afrique. Sa présence en Afghanistan pourrait s'expliquer. Bâmiyân est une cité en ruines de la province du Kapisa au nord-ouest de Kaboul où 12 000 maisons sont creusées dans le roc. C'est la Djouldjoul antique (surnommée la Thèbes orientale). En 1221, Gengis Khan dirigea le siège, le pillage et l'anéantissement de cette cité. Selon une tradition locale, Bâmiyân aurait été une des deux métropoles antiques d'une population noire en Asie.



Māori avant une chorégraphie cérémonielle (Nouvelle-Zélande)
Photo : Jorge Royan | Wikimedia | Creative Commons [CC BY-SA 3.0]

Du Māori au Dogrib

On enchaîne avec l'haplogroupe C-M130. Le A aurait engendré le C via l'haplogroupe A1b et les mutations BT, CT et CF. Parmi les plus représentatives, on peut citer les populations suivantes : Māori (Nouvelle-Zélande), Evens, Kalmyks, Evenks et Itelmens (Russie) et les Kazakhs (Kazakhstan). On peut également citer les Indonésiens de l'est du Timor (Indonésie), les Samoans (Samoa) et les Oroqen (Éthiopie). Les Tanana (États-Unis) et les Dogrib (Canada) ne sont pas en reste. L'Australie reste muette car nous n'avons pas utilisé d'études sur les populations aborigènes (supposément « isolées » depuis 50 000 ans) dont la diversité génétique (C, K, M) surprend.



La dispersion de cet haplogroupe est intéressante. Elle révèle des aptitudes pour les longs déplacements. Ses populations préfèrent l'hémisphère nord mais saisissent des opportunités dans l'hémisphère sud. En général, elles semblaient éviter le « bruit » de certains foyers antiques de civilisation : Amérique centrale et du Sud, Afrique, Europe et Orient.

La quasi-absence de cet haplogroupe en Afrique peut s'expliquer par le fait que son berceau est ailleurs. Sa présence au Pérou peut surprendre sachant qu'il évitait soigneusement l'Amérique centrale. Enfin, sa présence très représentative en Nouvelle-Zélande peut s'expliquer par la « proximité » maritime avec l'Indonésie et par l'éloignement insulaire. Enfin, si son berceau est ailleurs, où est-il ? Sa dispersion sur les rivages des océans Indien et Pacifique indique que ses aptitudes ne se limitent pas aux longs trajets terrestres.

Malheureusement, notre génome ne contient pas de « calendrier » et la génétique des populations en est réduite à se caler sur les calendriers de la paléoanthropologie et de l'archéologie. Le plus vieux spécimen connu serait celui du complexe archéologique de Kostyonki-Borshchyovo (Caucase, Russie) : il serait né il y a 36 000 ans.



Troupes de danse Zhuang (en mouvement) et Yao (à l'arrêt), Guilin (Chine)
Photo : shankar s. | Wikimedia | Creative Commons CC BY 2.0

De l'Ainu au Tibétain

On continue avec l'haplogroupe D-M174. Le A l'aurait engendré via l'haplogroupe A1b et les mutations BT, CT et DE. C'est un des haplogroupes les moins représentés (et les moins dispersés) sur Terre. On citera les Ainu (Japon), Andamanese (Inde), les Zhuang du Guangxi (Chine) et les Tibétains du Tibet et du Qinghai (Chine).



L'histoire du Japon ne sait qu'une chose sur les Ainu : ils descendent d'une population très ancienne qui cohabita pacifiquement avec les premiers colons

japonais sur le territoire actuel du Japon. Les Andamanese sont les résidents des îles Andaman (Inde) situées à 300 km des côtes birmanes.

L'hypothèse de l'origine africaine de notre humanité suggère que les haplogroupes C et D sont issus d'un flux migratoire « côtier » entre l'Afrique et l'Indonésie (voire le Sud-est asiatique). Cette hypothèse s'oppose au « régionalisme » qui défend l'idée que nos populations descendent de filières humaines régionales sans lien entre elles.

Au printemps 2009, une équipe de la Society for Archaeological and Anthropological Research (Chandigarh, Inde) a révolutionné l'anthropologie. Dans les piémonts himalayens au nord-ouest de l'Inde (au lieu-dit Masol), elle a mis à jour des preuves d'une activité humaine (du genre Homo) vieille de 2,6 millions d'années. Avant 2009, qui aurait parié que le vieux record du continent africain (2 millions d'années) serait battu ? Du coup, une troisième théorie s'invite au débat : l'origine asiatique de l'Homme. Rien de moins. Comme cela prendra un quart de siècle avant que les livres scolaires et universitaires concernés soient à jour, armons-nous de patience.

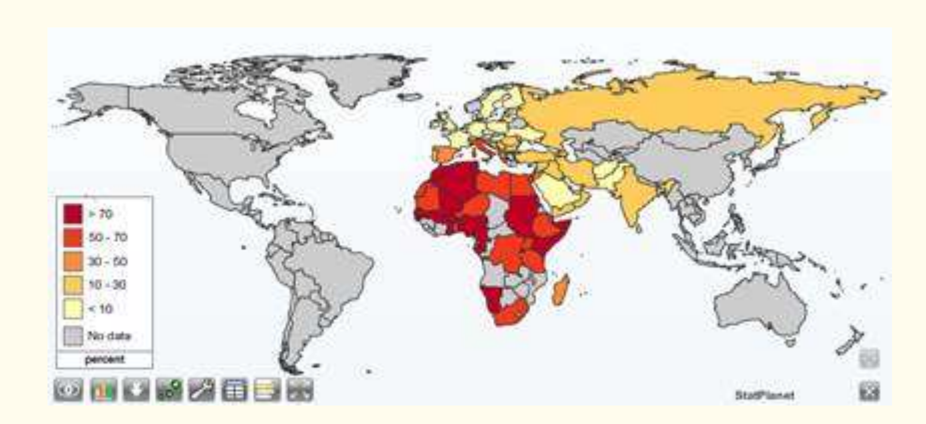
Enfin, la paléoanthropologie et la génétique diffèrent sur un point. Pour un paléoanthropologue, une mutation génétique est un processus hasardeux, soit une sorte de « loterie » cyclique. Ce processus est le moteur de l'évolution. Ensuite, la sélection naturelle conserve ou pas chaque heureux gagnant du « loto ». Or, pour un généticien, une mutation est une modification rare, accidentelle ou provoquée, du génome. « Moteur de l'évolution » et « accident » ne sont pas synonymes. Le seul moyen de concilier les deux disciplines est d'affirmer que l'évolution est un accident « perpétuel ».



Ramsès III
Wikimedia | Domaine public

L'Africain

C'est au tour de l'haplogroupe E-M96. Cet haplogroupe marque le grand retour de l'Afrique. Il est le « frère » de l'haplogroupe D dont la dispersion est aux antipodes de l'Afrique. L'Amérique reste muette car nous n'avons pas trouvé d'études sur les populations afro-américaines.



Les Berbères et la majorité des populations subsahariennes (dont les populations bantoues) sont les principaux représentants de cet haplogroupe. A la faveur de

migrations récentes (liées à la période coloniale), il est présent en Amérique, en Europe, en Orient et en Asie.

L'origine des Berbères et des populations subsahariennes fait l'objet de nombreux débats. Compte tenu de la proximité génétique et de l'éloignement géographique entre les haplogroupes D (Japon, Tibet) et E (Afrique), les débats vont perdurer. Pour l'anecdote, une analyse ADN a révélé que le pharaon Ramsès III portait l'haplogroupe E.

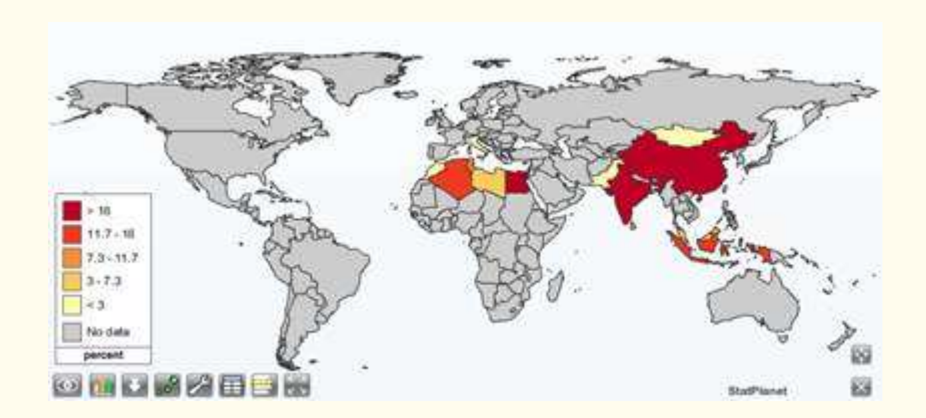
Pour finir, une question se pose. Pourquoi cet haplogroupe fait-il un spectaculaire retour en Afrique alors qu'il « descend » de mutations asiatiques d'origine africaine ? Compte tenu de la dispersion des haplogroupes A à E sur Terre, on peut considérer que l'Asie du Sud forme (pour notre humanité) un « centre de gravité » aussi acceptable que le continent africain. Dans un autre registre, on peut questionner l'origine unique de notre humanité. En clair, le débat n'est pas proche de son dénouement.



Membres de la communauté Koya
Photo : Eggheadedram | Wikimedia | Domaine public

Le « pilier »

On enchaîne avec l'haplogroupe F-M89. Le A l'aurait engendré via l'haplogroupe A1b et les mutations BT, CT et CF (au même titre que le C). Cet haplogroupe est en voie d'extinction mais on le trouve encore dans les populations suivantes : les Koya (Inde) et les Yi (Chine). On le rencontre également en Égypte, à Sumatra (Indonésie), en Algérie et au Sri Lanka.



Cet haplogroupe n'aurait jamais mis les pieds en Océanie, dans les steppes d'Asie centrale, en Orient, en Europe, au sud du Sahara et encore moins en Amérique. En

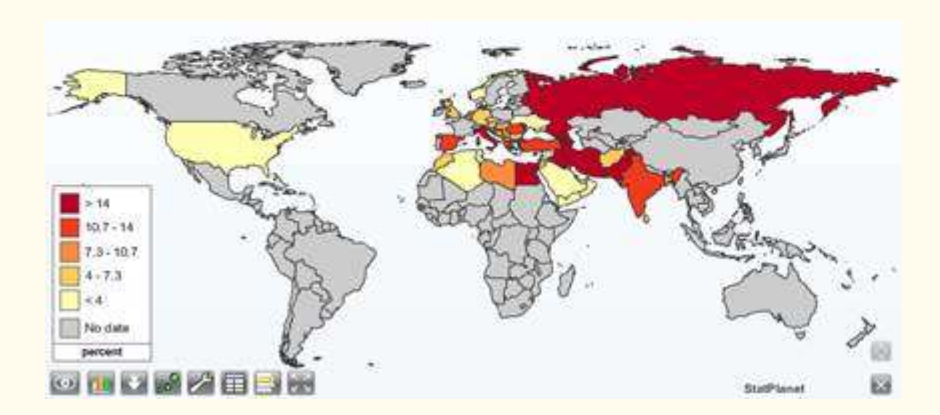
résumé, sa dispersion est difficile à expliquer. C'est pourtant l'haplogroupe « pilier » de 80 % de la population mondiale actuelle (et un des plus anciens sur Terre).



Jeunes (et moins jeunes) Adyga en tenue traditionnelle
Photo : Chereck | Wikimedia | Creative Commons [CC BY-SA 4.0]

L'Adyga

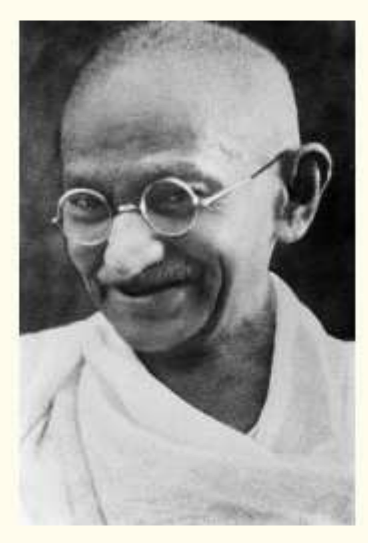
On continue avec l'haplogroupe G-M201. Le F l'aurait engendré via la mutation GHIJK. C'est l'haplogroupe des Adyga (synonymes : Adyguéens, Tcherkesses, Circassiens). Ils seraient originaires des montagnes du Nord Caucase. Ils sont regroupés en douze tribus (depuis l'Antiquité ?) et en trois nations : l'Adygha, l'Ubykh et l'Apsua.



Les Adygha occupaient des régions stratégiques du Caucase. Les Ubykhs vivaient sur les rivages de la mer Noire. Leur caractère guerrier et leur ténacité ont causé

leur perte et leur nation est éteinte. Les Apsua vivaient dans une région caucasienne connue dans l'Antiquité sous le nom de Colchide (des Argonautes). Elle était enclavée entre le territoire des Sarmates et des Perses. L'haplogroupe de ces Adyga s'est propagé depuis l'Antiquité : Géorgie, Arménie, Azerbaïdjan, Orient, Égypte, Europe, etc.

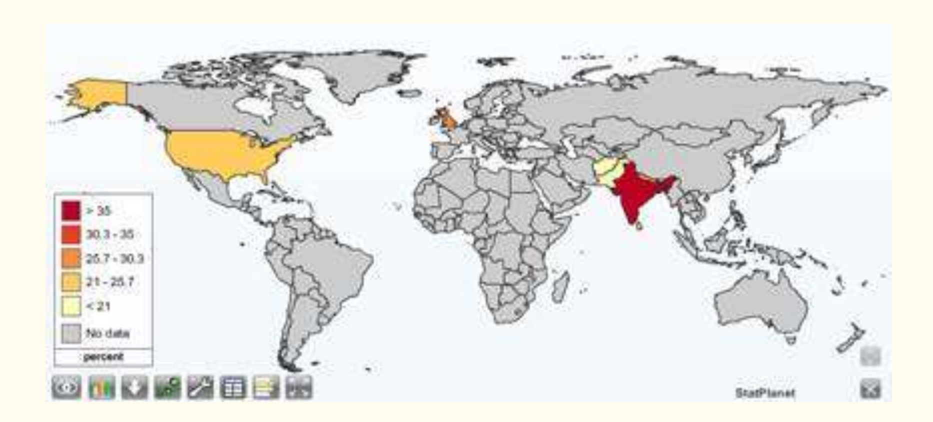
Les valeurs antiques des Adyga-Circassiens sont résolument modernes : liberté, respect mutuel, égalité, droits des femmes, etc. Les Adyga considèrent que l'homme et la femme sont complémentaires et indissociables. Comme dans les sociétés scandinaves, hommes et femmes combattaient côte à côte. Dans la mythologie grecque, les Amazones formaient une population de guerrières. Selon la tradition de l'époque, elles résidaient sur les rivages de la mer Noire. On peut parier sur le fait que ces Amazones étaient des Ubykhs.



Le Gujarati le plus célèbre : Mohandas K. Gandhi…
Wikimedia | Domaine public

Le Dravidien

On va aborder maintenant l'haplogroupe H-L901/M2939. Le F l'aurait engendré via les mutations GHIJK et HIJK. L'Inde est le berceau de cet haplogroupe. Parmi les populations les plus représentatives, on compte les Koraga, Koya, Maharashtriens, Koitur (Gondi) et Gujarati. Ce sont des populations dites dravidiennes.



Dans l'Antiquité, le territoire des Maharashtriens formait l'empire Satavahana, issu de la chute de l'empire Maurya qui couvrait l'Inde actuelle. Les Koitur

(« montagnards ») correspondraient aux Gondaloi de Ptolémée. Ils sont regroupés en douze groupes appelés Saga : les Râj Gond (région Gondwâna), Muria, Maria, Padal, Dholi, Dadare, etc. Ils s'expriment dans une langue dravidienne non écrite et pratiquent l'exogamie. Enfin, de nos jours, les Gujarati participent activement à l'économie mondiale : startups de nouvelles technologies, grands conglomérats, etc.

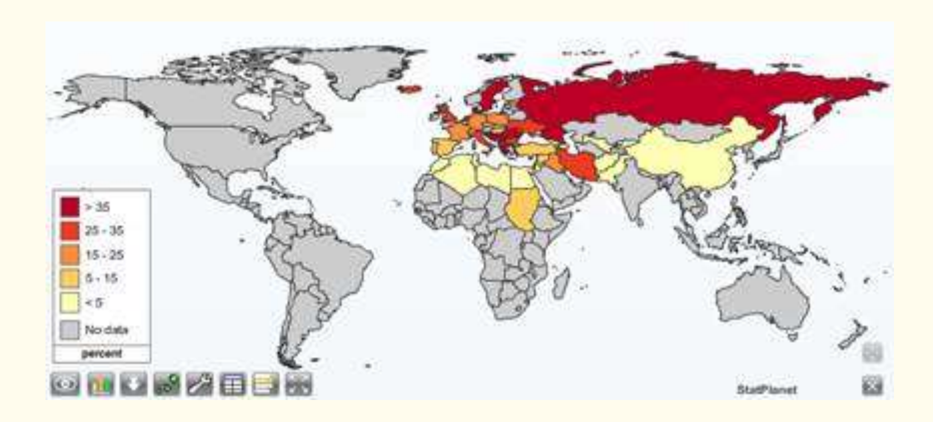
Retracer la protohistoire de ces populations est un exercice difficile car leurs traditions et leurs légendes manquent de publications à l'internationale.



Réfugiés herzégoviniens (1889), timbre commémoratif (1977)
Collectionneur : Uroš Predić | Wikimedia | Domaine public

L'Européen

On continue avec l'haplogroupe I-M170. Le F l'aurait engendré via les mutations GHIJK, HIJK, IJK et IJ. C'est peut-être le seul haplogroupe d'origine européenne. Parmi les populations les plus représentatives, on trouve les Herzégoviniens, Bosniaques, Arkhangelsk, Aromaniens, Roumains, Serbes, Croates et Grecs. On peut aussi préciser que 30 à 40 % des populations suédoise, danoise et islandaise portent cet haplogroupe.



Les historiens savent désormais que l'invasion dorienne de la Grèce est un concept qui ne reflète pas la réalité. Les Doriens sont originaires de régions montagneuses : la péninsule des Balkans, voire les Alpes dinariques. Les flux migratoires doriens vers la péninsule du Péloponnèse se succédèrent dans le temps. La corrélation entre les populations représentatives et ces régions montagneuses est explicite. Nous pouvons suggérer que les Doriens portaient l'haplogroupe I.

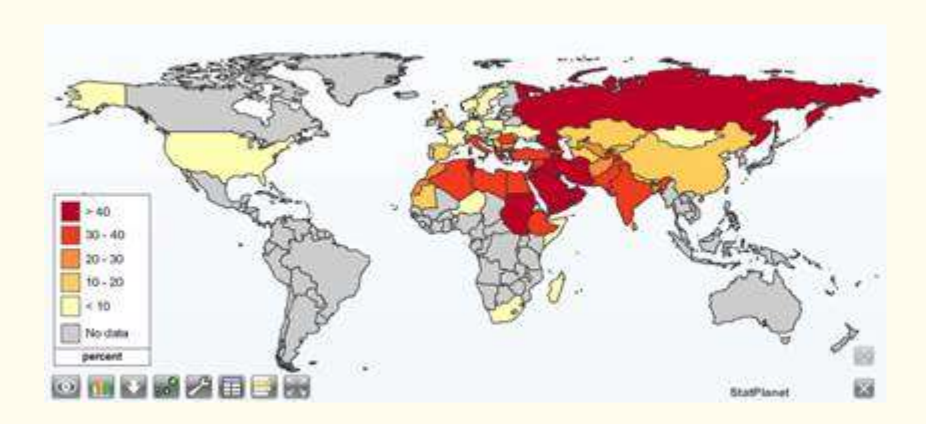
L'histoire antique de la Grèce est subdivisée en plusieurs époques : les « siècles obscurs », l'époque archaïque (-620), âge des cités (-510), etc. Le *Lebor Gabála Érenn* irlandais (le plus ancien récit européen ?) évoque une bataille sur le sol grec entre les Athéansta (Athéniens) et les Félistinéada (Philistins). Cette bataille, inconnue des historiens, peut dater de l'époque archaïque, voire des siècles obscurs. Dans le récit irlandais, à cette époque, Athènes ne semble pas être une cité. Nous pourrions proposer que les Félistinéada fussent des populations doriennes.



Un groupe traditionnel, Muscat (Oman)

Sémite et Caucasien

On enchaîne avec l'haplogroupe J-M304. Le F l'aurait engendré via les mêmes mutations que l'haplogroupe précédent : GHIJK, HIJK, IJK et IJ. C'est l'haplogroupe des locuteurs de langues sémitiques et de langues caucasiennes. Parmi les populations les plus représentatives, on compte les Mehri du Yémen, les Arabes et les Avars, Chamalals et Lezgins du Caucase.



Les plus anciennes tablettes (connues) rédigées en langue sémitique (et en écriture cunéiforme) furent découvertes en 1974 sur le site de l'antique cité d'Ebla (Tell

Mardikh, Syrie). On parle de 17 000 tablettes rédigées il y a 4300 ans environ. La typologie et le lexique de cette langue antique ne sont pas sans rappeler les langues akkadienne, araméenne et hébraïque.

Du fait de cette découverte, l'origine des locuteurs sémitiques serait le Moyen-Orient (le Yémen ?). Dès le XIXe siècle, c'était déjà l'hypothèse des linguistes : une langue mère qui naît au Moyen-Orient avant de se répandre au Proche-Orient puis en Afrique. Cela dit, la présence des Avars, des Chamalals et des Lezgins dans le Caucase depuis la plus haute antiquité questionne l'origine de l'haplogroupe.

Selon les travaux de l'archéologue Sergey Tolstov (1907-1976), les Avars seraient originaires de la mer Caspienne. Ils s'apparenteraient aux Hourrites de l'Antiquité. Ces derniers établirent un royaume dans une région stratégique entre l'Anatolie (Turquie) et la Mésopotamie (à l'époque des tablettes d'Ebla). De là, ils menèrent des expéditions commerciales ou militaires au Proche-Orient (dont Ebla) et en Mésopotamie (jusqu'aux cités d'Ur et de Larsa). Culturellement, les Chamalals sont proches des Avars.

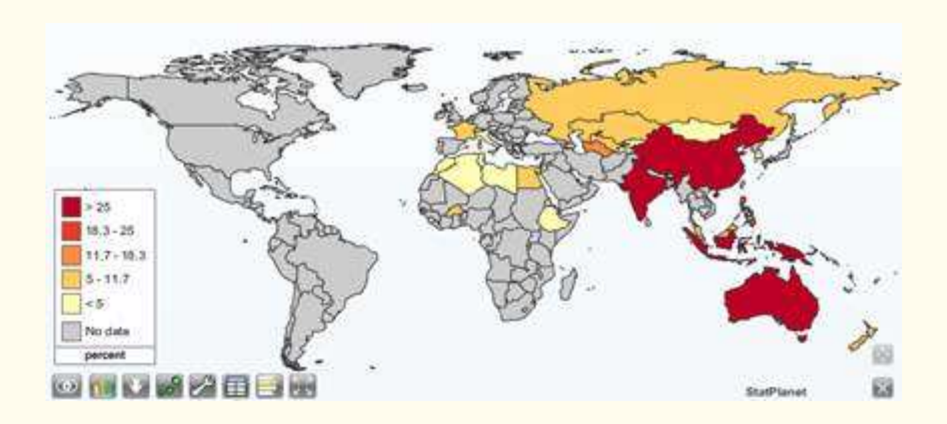
C'est un des haplogroupes les plus énigmatiques : un même patrimoine génétique mais deux familles linguistiques distinctes et deux origines géographiques éloignées.



Cérémonie d'ouverture, Mini-Jeux du Pacifique 2017, Port Vila (Vanuatu)
Photo : Dan McGarry | imagicity.com | Creative Commons CC BY-SA 3.0

L'Océanien

On continue avec l'haplogroupe K-M9. Le F l'aurait engendré via les mutations GHIJK, HIJK et IJK. C'est un haplogroupe océanien. Parmi les populations les plus représentatives, on trouve les Papous des îles Salomon, de Bougainville et de Nouvelle-Irlande, les Fidjiens, la population du Vanuatu et les Mélanésiens. Cet haplogroupe s'est intégré dans des flux migratoires en direction de l'Asie, l'Afrique et l'Europe.



Les ascendants des Papous auraient vécu sur l'île de Nouvelle-Guinée et les îles Salomon depuis la dernière glaciation (depuis 21 000 ans environ). A l'époque, l'île était reliée au continent australien. La paléontologie n'exclut pas que des flux migratoires originaires d'Asie aient peuplé cette île (en devenir) à une période plus reculée.

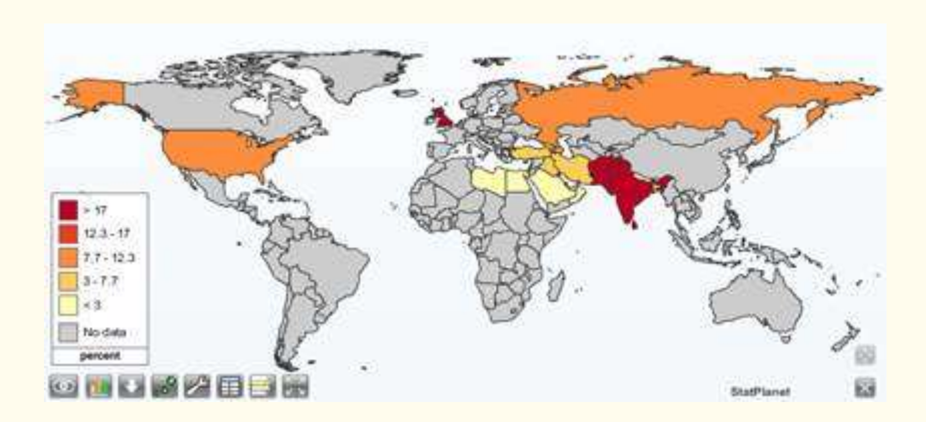
Les Papous pratiquent l'agriculture depuis 9000 ans et l'irrigation depuis cinq millénaires. A cette époque, le niveau général des mers remonte et isole ces populations du continent asiatique. 1500 ans avant notre ère, des populations isolées du Pacifique fondent la civilisation de Lapita (Nouvelle-Guinée, îles Salomon, Vanuatu, etc.) qui partage la même langue, la même maîtrise de la navigation et les mêmes techniques (poterie décorée, etc.). Des populations du littoral asiatique finiront par adopter cet art de la navigation et ces techniques.



Une jeune Baloutche, Ashkutu (Iran)
Photo : Mostafameraji | Wikimedia | Creative Commons CC BY-SA 4.0

Le Baluchi

On aborde maintenant l'haplogroupe L-M20. Le K l'aurait engendré via la mutation LT. Sa population la plus représentative est (de loin) celle des Baluchis (Baloutches, Afghanistan, Pakistan). Cet haplogroupe est également présent (entre autres) au sein de la population du Saurashtra (ou Kâthiâwar), une péninsule de l'Inde occidentale.



La région des Baluchis est le Baloutchistân, autrefois nommé le Makrân. Elle se trouve au croisement de l'Orient et de l'Inde. L'origine géographique des Baluchis

n'est pas connue. La raison qui les poussa à s'installer dans cette région aride est également un mystère. Néanmoins, le Makrân attirait les conquérants. « *À la fin du IVe siècle av. J.-C., le Makran est sous l'autorité des Séleucides. Il passe ensuite sous la tutelle des Parthes puis des Perses sassanides et enfin des Indiens. En 712 la région est occupée par les Arabes. Au début du VIIe siècle, elle semble encore compter un fort peuplement bouddhiste.* » (Wikipédia)

Cela dit, le Baloutchistân compte un des sites les plus intéressants du néolithique. Mehrgarh était un ancien site de peuplement dans la plaine du Kachi (probablement moins aride à l'époque). On y pratiquait l'agriculture il y a 9000 ans et la poterie 1500 ans plus tard. Ce site a permis de mettre à jour les plus anciennes poteries de l'Asie du Sud. Le Baloutchistân compte également le parc naturel d'Hingol dont certaines structures (la « princesse de l'espoir », le « sphinx », des structures symétriques, etc.) pourraient avoir été taillées à même la roche. Cela dit, malgré l'antériorité du peuplement humain dans la région, l'archéologie ne s'est pas encore penchée sur ce site.

Dans un essai précédent, nous avons développé une connexion possible entre l'Inde et les bâtisseurs des premières pyramides du Guatemala et du Yucatan (sans parler du Honduras et du Belize). On distinguait deux générations de Mayas : celle de ces bâtisseurs (qui finalement quitta l'Amérique centrale) et celle qui lui succéda, les Maya-Quiché actuels. Les traditions de ces derniers ignoraient l'origine et les motivations des bâtisseurs.

Un archéologue amateur du XIXe siècle (Augustus Le Plongeon, 1825-1908), photographe et antiquaire de métier, vécut douze années au Yucatan. Ses fouilles et ses recherches linguistiques l'amenèrent même à proposer une émigration des bâtisseurs sur le territoire actuel du… Makrân (un retour aux sources ?). Cela suppose un exploit maritime pour l'époque. Cela dit, la civilisation de Lapita (évoquée au chapitre précédent) montre que la maîtrise maritime du Pacifique est plus ancienne que l'on pensait.



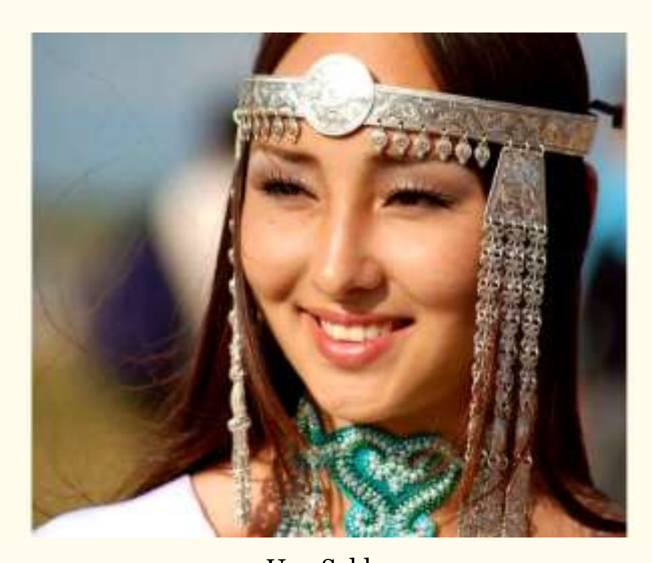
Un homme et son petit-fils, Nouvelle-Bretagne orientale (Papouasie–Nouvelle-Guinée)
Photo : Taro Taylor | Wikimedia | Creative Commons CC BY 2.0

Le Mélanésien

On enchaîne avec l'haplogroupe M (ou K2b1b). Le K l'aurait engendré via les mutations K2, K2b et K2b1. C'est un haplogroupe qui cohabite avec son « parent » (le K) au sein de populations papoues (Nouvelle-Guinée, etc.) et mélanésiennes. Contrairement au K « globe-trotter », cet haplogroupe est « sédentaire ». La Mélanésie traditionnelle inclut la Papouasie–Nouvelle-Guinée, Vanuatu, les îles Salomon, la Nouvelle-Calédonie et les Fidji.



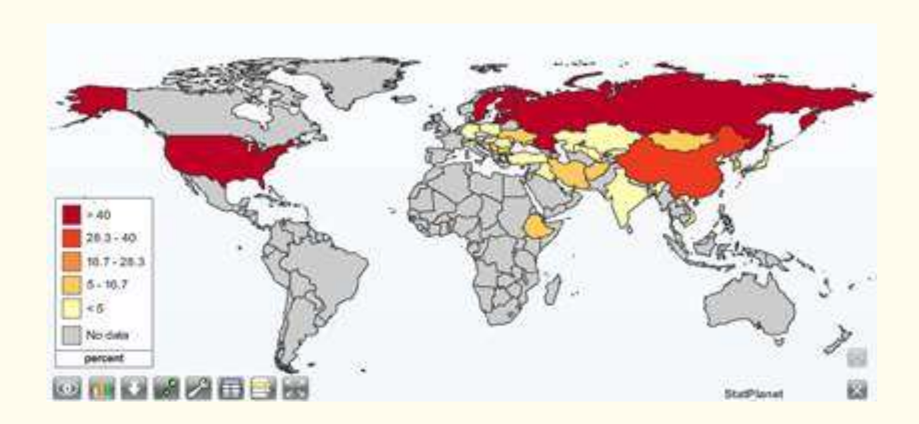
Cependant, sur le continent asiatique, une étude réalisée auprès de Hazaras (Afghanistan) détecta cet haplogroupe (1,7 % des individus seulement). Ce lien entre le trio afghan, pakistanais et indien et l'Océanie est récurrent pour plusieurs haplogroupes (C, D, F, K, M). On peut souligner que le fleuve Indus et son affluent Kaboul facilitent grandement les choses. Ce n'est pas sans rappeler le rôle des fleuves Tigre et Nil dans le développement des civilisations sumérienne et égyptienne.



Une Sakha
Photo : Aleksandr Ivanov | Wikimedia | Creative Commons CC BY 2.0

Le Finno-Ougrien

On continue avec l'haplogroupe N-M231. Le K l'aurait engendré via les mutations K2 et NO. C'est un haplogroupe « nordique ». Ses populations s'expriment dans des langues finno-ougriennes. Parmi les populations les plus représentatives, on trouve les Nenets, Nganasans, Sakha (Yakuts), Khantys et Komi (Russie), Finns (Finlande), Yupiks (États-Unis), Samis ou Lapons (Suède). Il est également présent au sein des populations baltes (Lituanie, Lettonie et Estonie).



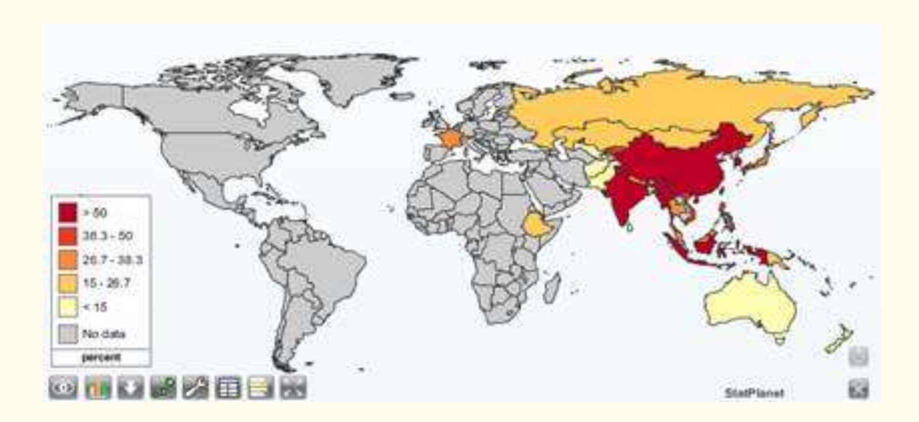
Des cosmologies de ces populations permettent de découvrir un concept central selon lequel le monde fut créé à partir d'un œuf. Ce n'est pas sans rappeler l'Œuf cosmique d'une antique tradition de l'Inde. On compte également des mythes sur la Voie lactée et sur l'existence d'un pilier du Monde et d'un Océan primordial. Enfin, des astérismes (constellations) sont associés à des esprits d'animaux. Pour le reste, l'origine de cet haplogroupe reste un mystère. La thèse consensuelle désigne la Sibérie. Sachant que le « parent » est le K océanien, cette thèse masque un grand vide.



Femmes Sümi (Naga) en costume traditionnel, Nagaland (Birmanie)
Photo : Sumitotimi | Wikimedia | Creative Commons [CC BY-SA 3.0]

Du Naga au Han

On enchaîne avec l'haplogroupe O-M175. Comme pour l'haplogroupe précédent, le K l'aurait engendré via les mutations K2 et NO. C'est un haplogroupe asiatique. Parmi les populations les plus représentatives, on compte les Naga (Birmanie, Inde), Mishmi (Tibet, Inde), Yao, Achang, Zhuang et Han (Chine) et Khasi (Inde). Ce sont des locuteurs de langues dites sino-tibétaines.



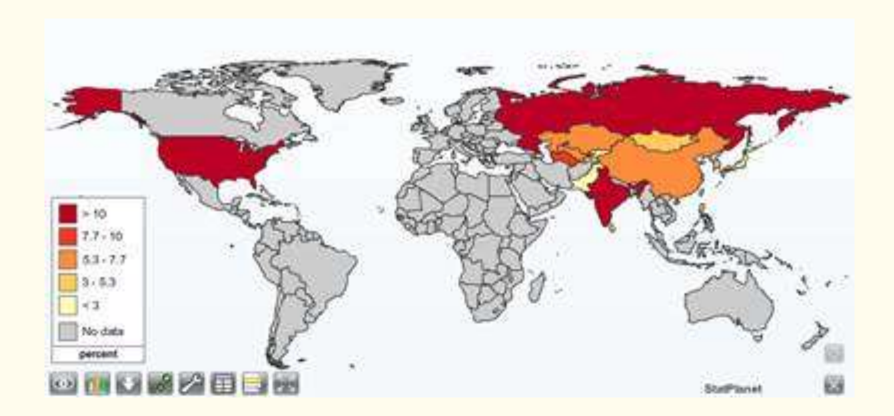
De nos jours, les Han forment le plus grand groupe ethnique du monde. Il y a 7000 ans, leurs ancêtres, les Huaxia développèrent une société le long du fleuve Jaune.

Ils pratiquaient en alternance le matriarcat et le patriarcat. Il y a 4700 ans, deux de leurs principales tribus s'affrontèrent lors d'une bataille dite de Banquan. A l'issue de cette guerre, elles prirent conscience qu'une coopération servirait mieux leurs intérêts pour conquérir les autres tribus. A l'époque, la société des Huaxia pratiquait le communalisme. Six cents ans plus tard, la société hiérarchique fait son apparition.

Cet haplogroupe étonne sur un point : il ne développe pas de cosmogonie ou de mythologie. Même s'il perpétue quelques légendes peuplées d'êtres surnaturels, son athéisme semble profondément ancré. Enfin, le débat sur une possible vie après la mort est quasi inexistant. Pourtant, il produit régulièrement des religions dites philosophiques où le développement personnel est élevé au rang de spiritualité.

Du Touvain au Yupiit

On enchaîne avec l'haplogroupe P (ou K2b2). Le K l'aurait engendré via les mutations K2 et K2b. Parmi les populations les plus représentatives, on dénombre les Touvains, Nivkh, Altaïens, Tchouktches, Koryaks et Kalmouks (Russie), les Yupiit (États-Unis) et les Andamanais (Inde). Cela dit, cet haplogroupe est minoritaire au sein de ces populations et peut être considéré comme en voie d'extinction.



La présence de cet haplogroupe sur le sol américain montre qu'il a participé au moins à un flux migratoire entre l'Asie et l'Amérique. Malheureusement, les traditions des Touvains ne remontent qu'à leur cohabitation en Asie avec les Sakas (une population indo-européenne). Des chroniques chinoises mentionnent les Nivkhes pour la première fois au... XIIe siècle. Les Kalmouks sont les descendants de Mongols occidentaux, les Oïrats. Ces derniers n'apparaissent dans l'histoire qu'au moment de leur intégration dans l'empire mongol.



Jeunes Quechuas, Cuzco (Pérou)
Photo : Rod Waddington | Wikimedia | Creative Commons CC BY 2.0

L'Amérindien

On s'intéresse maintenant à l'haplogroupe Q-M242. Le P l'aurait engendré. Les populations les plus représentatives sont si nombreuses qu'une page ne suffirait pas à les lister. On citera tout de même celles dont l'haplogroupe est représenté à… 100 % dans les études considérées : les Yukpa et Warao (Venezuela), des locuteurs de langues chibchanes au Costa Rica, les Yagua (Péru), Ticuna (Brésil), Mixe (Mexique) et Guaraní (Paraguay).



Les Inuits, les populations des Premières nations (États-Unis, Canada), les Inga (associés historiquement aux Incas), les Quechuas (Amérique du Sud) et les Zapotèques (Mexique) ne sont pas en reste. Leurs traditions sont si nombreuses qu'on ne sait par lesquelles commencer. Leur émigration en Amérique pourrait avoir débuté avant le dernier pic glaciaire, il y a 40 000 ans. Cela dit, aucune tradition amérindienne connue ne fait état d'une longue migration originelle.

Trois hypothèses s'affrontent sur l'origine de cet haplogroupe. La première défend l'origine sibérienne. La seconde propose une origine océanienne. Enfin, la troisième est celle de l'archéologue Dennis Stanford : cet haplogroupe est d'origine européenne. En 1998, une étude multidisciplinaire intitulée « *mtDNA haplogroup X: An ancient link between Europe/Western Asia and North America?* » confirme une présence de cet haplogroupe en Europe (et dans l'ouest de l'Asie) il y a au moins 20 000 ans.

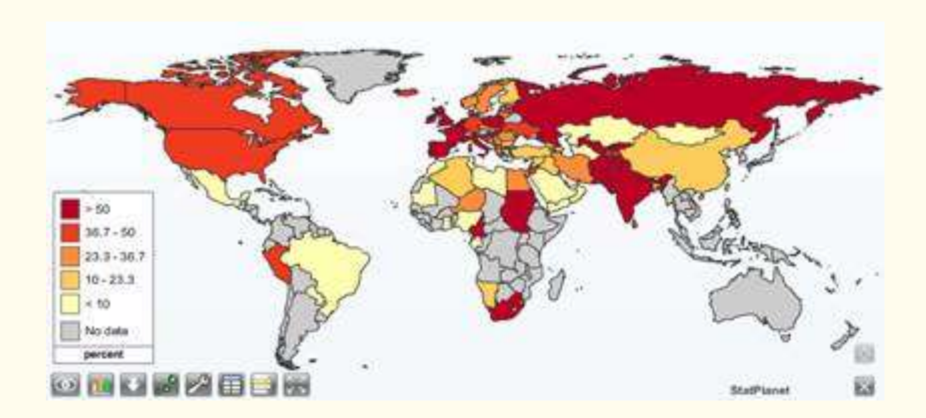
Si c'est le cas, c'est un revirement assez étonnant. Généralement, les flux migratoires humains en Eurasie vont de l'est vers l'ouest. Cela dit, l'histoire des haplogroupes montre que le Caucase est devenu très tôt une région mouvementée et cosmopolite. Dans ce cas, on peut se questionner : pourquoi l'Amérique ? A l'époque, l'Asie centrale et orientale ne manquait pas d'espace. On peut arguer que le climat y est rude et que la toundra a ses limites. De toute évidence, c'est un haplogroupe plus à son aise sous des climats chauds voire dans des régions tropicales. Cela dit, certains se sont bien adaptés à la toundra.



Une famille européenne (photo antérieure à 1931)
Nationaal Museum van Wereldculturen (Pays-Bas) | Creative Commons CC BY-SA 3.0

L’Indo-Européen

On s’intéresse maintenant à l’haplogroupe R-M207. Le P l’aurait engendré : c’est donc le petit « frère » de l’haplogroupe précédent. Ses populations s’expriment dans des langues indo-européennes. Là encore, la liste de populations (majoritairement européennes) est si longue qu’elle ne tiendrait pas sur une seule page.



Cet haplogroupe offre une surprise de taille : la population qui le représente le mieux vit au nord du… Cameroun. On parle des Ouldémé. Pour le reste, parmi les

plus représentatives, on peut citer : Basques et Catalans (Espagne), Bashkirs (Russie), Gallois, Irlandais et Ecossais.

La terminologie « indo-européenne » est issue de la linguistique : le sanskrit de l'Inde fait partie de la famille des langues européennes actuelles. Les théories sur l'origine des locuteurs sont variées : plateau d'Iran, contreforts de l'Himalaya, Eurasie, Asie Mineure.

Cette famille de langues pose un problème de taille pour les chercheurs : ses branches sont dénuées de tronc commun. Du coup, la recherche du tronc va bon train. Deux hypothèses s'affrontaient : kourgane (eurasienne) et anatolienne (Asie Mineure). Finalement, cette dernière s'est ralliée à une troisième développée par l'historien Igor M. Diakonoff : l'hypothèse balkanique. On peut également citer l'hypothèse de la culture des gobelets en entonnoir (Europe du Nord) et la thèse de la continuité paléolithique (Europe).

L'effort des historiens pour faire rentrer l'indo-européen dans le moule européen est pathétique (note : l'auteur de cet essai est indo-européen). Le *Lebor Gabála Érenn* irlandais révèle que les Scythes d'Irlande, une des branches kourganes, étaient originaires de la mer Caspienne. Les Tokhariens (des Indo-européens) s'installèrent dans le bassin du Tarim (Chine). Des influences scythes furent identifiées dans l'antique Corée (royaume de Silla) et dans celle du Japon (période Kofun).

Le « centre de gravité » des Indo-européens est ailleurs. Ils ont toujours eu une préférence pour les mers intérieures. Quelle est ou quelle était la plus grande mer intérieure d'Asie ? Le géologue Ferdinand von Richthofen (1833-1905) serait le premier à avoir proposé le… désert de Gobi. C'est un désert de graviers quartzeux, d'agates, de carnéoles et de calcédoines. Non seulement c'est un ancien lit mais en plus, on parle d'une ancienne mer salée. Ce désert actuel est enclavé entre la Mongolie (au nord), la Chine (au sud-est) et l'Himalaya (au sud-ouest).

Selon la logique actuelle, la langue des Tokhariens diffère tellement des autres branches linguistiques qu'une seule conclusion s'impose : ces Tokhariens se sont séparés des autres indo-européens il y a 5500 ans. On pourrait inverser la logique : les autres indo-européens se sont séparés des Tokhariens à cette époque suite au

processus de désertification. Le bassin du Tarim ne pouvait pas accueillir tout le monde. Une des populations a franchi l'Himalaya pour s'installer dans le nord de l'Inde (le sanskrit). Une autre (« kourgane ») traverse l'Asie centrale pour se fixer sur les rivages de la mer Noire (kourgane III, culture de Cucuteni-Trypillia il y a 5500 ans). Enfin, une dernière vague s'installera sur les rivages de la mer Caspienne (kourgane IV, culture Yamna il y a 5000 ans).

Le *Lebor Gabála Érenn* irlandais démontre que les Scythes de la mer Caspienne accédaient à la Méditerranée par le corridor mer Noire - mer Égée et qu'ils avaient sympathisé avec des dirigeants Proto-Grecs et des pharaons d'Égypte. Il précise aussi que les Irlandais et les Écossais sont leurs descendants. A l'arrivée des Romains sur l'île de Bretagne (Grande-Bretagne), la majorité des populations portaient des noms à consonance scythe. Le *Lebor Gabála Érenn* raconte même en détail l'installation de populations scythes en Grèce et en Espagne. Quant aux premiers Indo-européens en Asie Mineure (les Hittites), les historiens se doutent déjà qu'ils étaient issus d'une des cultures kourganes.

En résumé, les deux langues tokhariennes ne sont pas les dialectes d'une population indo-européenne expatriée : c'est le « tronc ». On pourra objecter que ces langues ne contiennent pas les trios d'occlusives (g, d, b), (gh, dh, bh) et (kh, th, ph) des autres langues indo-européennes. C'est bien la preuve de notre affirmation : les langues qui « bougent » s'enrichissent (et non l'inverse). En clair, les Tokhariens n'ont jamais « bougé ».

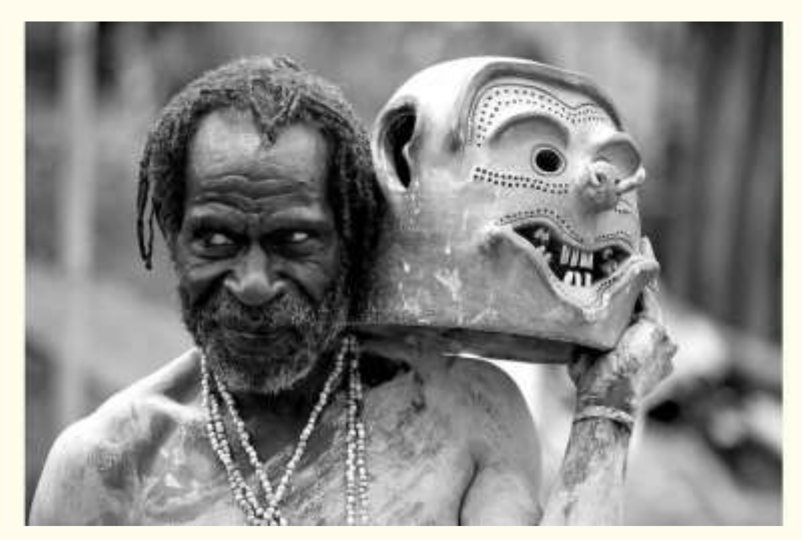
Il reste à évoquer kourgane I (culture de Samara il y a 7000 ans) et kourgane II (culture de Maïkop il y a 6000 ans). Concernant les Slaves, la culture la plus ancienne connue est celle de Tcherniakhov (IIe ou IIIe siècle de notre ère) mais ils pourraient être originaires du bassin du haut-Dniepr. Or, la culture de Samara s'était étendue jusqu'à ce bassin. On peut donc émettre l'hypothèse que les Slaves sont issus de cette culture.

En Europe, la population la plus représentative est celle des Basques. Or, leur langue, l'euskara, n'est pas indo-européenne. Concernant leur émigration en Europe de l'Ouest, les historiens n'ont qu'une certitude : elle a précédé les autres migrations indo-européennes. En clair, elle ne serait pas kourgane. Les Basques occupent le littoral atlantique à la hauteur des Pyrénées. Or, avant kourgane I, l'Europe de l'Ouest n'était qu'un massif forestier infranchissable et les voies

navigables intérieures ne permettent pas d'atteindre ce littoral. On peut donc suggérer que les Basques sont arrivés par… l'océan.

On terminera avec les Ouldémé du Cameroun. Cette population est enclavée dans les monts Mandara, un massif montagneux volcanique frontalier du Nigéria. La morphologie des Ouldémé est indo-européenne mais leur pigmentation de la peau ne l'est pas. Pourtant, pour un généticien, l'explication est simple : la pigmentation n'est pas forcément liée à l'haplogroupe mais à un de ses sous-clades (« subdivisions »). Ces monts abritent un site archéologique : les Diy-Gid-Biy. Ces monuments en pierre sont répartis sur une zone de… 25 km2. Selon des datations au carbone 14, le site fut édifié au XIIe ou XIIIe siècle de notre ère. Un peu plus au sud, on trouve également les pétroglyphes de Bidzar, uniques en Afrique. Les méthodes de datation sont confrontées à une inconnue : la vitesse de sédimentation dans la région. En clair, ces pétroglyphes pourraient dater de la période des Diy-Gid-Biy ou du néolithique.

Comment expliquer un tel isolement pour une population indo-européenne ? La linguistique offre un indice : ce sont des locuteurs de la famille des langues tchadiques. La frontière (nord) du Cameroun accède au lac Tchad (une ancienne mer intérieure). Il fut le plus grand lac paléolithique africain (plus grand que l'actuelle mer Caspienne). Son assèchement aurait débuté il y 6500 ans. Si c'est le cas, c'est postérieur à kourgane I…



Un Asaro (Papou) | Hauts plateaux de Papouasie Nouvelle-Guinée
Photo : Jialiang Gao | Wikimedia | Creative Commons CC BY-SA 3.0

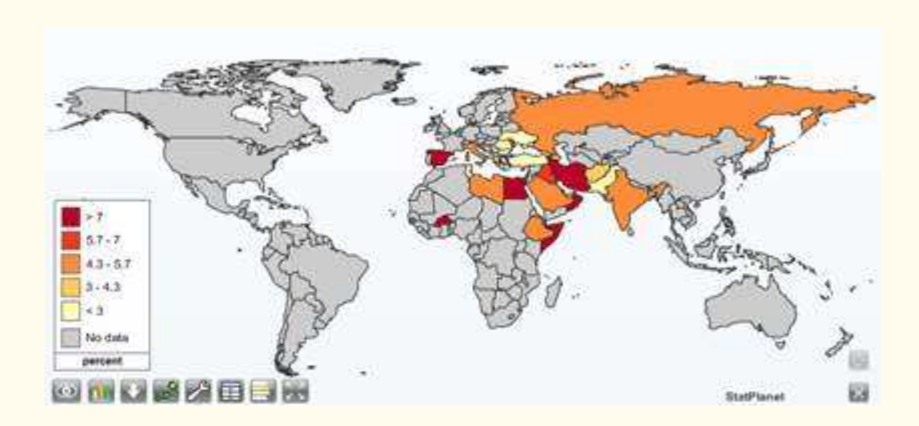
Le Papou des Highlands

On enchaîne avec l'haplogroupe S. Le K l'aurait engendré via les mutations K2, K2b et K2b1. C'est le petit « frère » du Mélanésien (le M). Une seule population est réellement représentative : celle des Papous des hauts plateaux de la Papouasie Nouvelle-Guinée.



Le Phénicien

On aborde maintenant l'haplogroupe T-M20. Le K l'aurait engendré via la mutation LT. C'est le petit « frère » des Baluchis (L) et le petit dernier de l'arbre génétique des populations (au sens « séquentiel » du terme, pas forcément au sens temporel). Malgré cela, cet haplogroupe est en voie d'extinction mais on le trouve encore dans certaines populations. Parmi les plus représentatives, on peut citer les Arméniens (notamment ceux du district de Sason en Turquie), les îliens d'Ibiza (Espagne), les Somaliens, les Égyptiens du Sud et les Assyriens d'Iran.



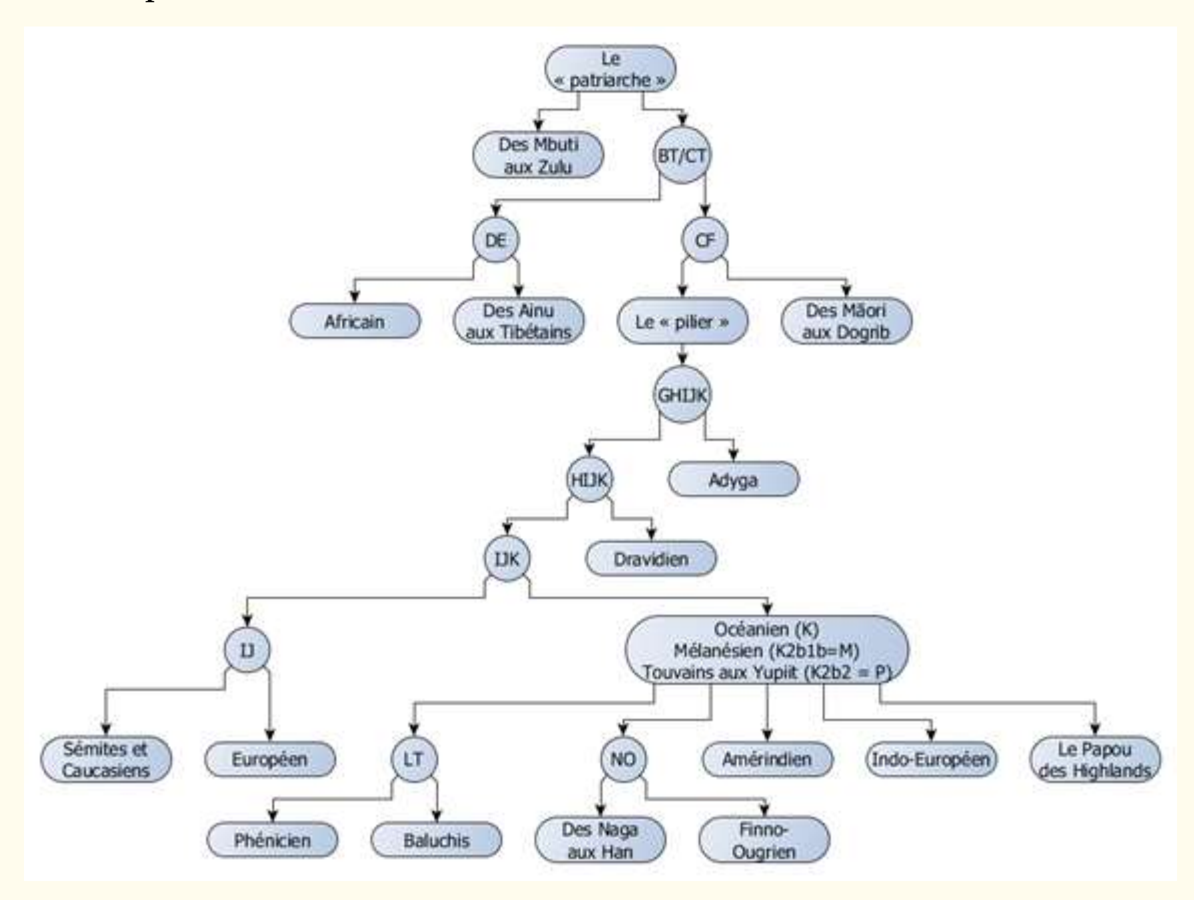
Du fait de sa faible représentation au sein de ces populations, son origine semble impossible à retracer. Le district de Sason en Turquie est lié géographiquement à l'antique royaume d'Urartu dans la région du lac de Van (le plus grand lac de Turquie). La langue, l'urartéen, fut ardue à déchiffrer car elle n'était liée à aucune famille linguistique connue. Les scribes de ce royaume désignaient leur pays sous le nom de Biaineli dont l'étymologie est liée au nom du lac (Van, Ban). Les historiens ignorent l'origine de cette population.

L'île d'Ibiza pourrait être un autre indice. En 654 av. J.-C., les Phéniciens y fondent un port qu'ils nomment Ibossim. Les rivages et les collines intérieures sont riches en murex, en marbre et en plomb argentifère. La langue phénicienne appartient à la famille des langues protosémitiques (sous-groupe cananéen). La langue hébraïque serait son descendant naturel. Nous irions jusqu'à proposer que les îliens d'Ibiza soient (en partie) des descendants de Phéniciens.

Si cet haplogroupe est celui des Phéniciens, comment lier les îliens d'Ibiza et le royaume antique de Biaineli dont la langue, l'urartéen, n'appartient pas à la famille protosémitique ?

Conclusion

On présente l'arbre génétique sous l'angle des indices historiques connus et enrichis par cet essai.



Cet arbre offre encore quelques surprises :

- la distance géographique entre les Ainu/Tibétains et l'Africain
- la descendance de l'Océanien : l'Asiatique actuel (Naga/Han), le Finno-Ougrien, l'Amérindien et l'Indo-Européen

A contrario, cet arbre génétique montre une cohérence géographique entre les Sémites, les Caucasiens, l'Européen et le Phénicien. Il montre aussi que si l'on suppose une origine asiatique de l'Indo-européen, la descendance de l'Océanien devient cohérente sur le plan géographique.

Crédits sites

Les synthèses d'études génétiques utilisées sont consultables aux adresses Wikipedia.org suivantes :

- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_Europe
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_the_Near_East
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_North_Africa
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_Sub-Saharan_Africa
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_the_Caucasus
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_South_Asia
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_East_and_Southeast_Asia
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_Central_and_North_Asia
- Y-DNA_haplogroups_in_populations_of_Oceania
- Y-DNA_haplogroups_in_indigenous_peoples_of_the_Americas

Ces synthèses sont basées sur des études regroupées (majoritairement) sur les sites de publication suivants :

- European Journal of Human Genetics
- Exemple : Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in southeast Europe
- National Center for Biotechnology Information, U.S. National Library of Medicine
- Exemple : Balinese Y-chromosome perspective on the peopling of Indonesia
- PLOS
- Exemple : Afghanistan's Ethnic Groups Share a Y-Chromosomal Heritage Structured by Historical Events
- Oxford University Press
- Exemple : Melanesian and Asian Origins of Polynesians: mtDNA and Y Chromosome Gradients Across the Pacific